

## WOOD-DESTROYING BIOTROPHIC FUNGI OF OLD-GROWTH CONIFEROUS TREE PLANTATIONS IN «MONREPOS PARK» MUSEUM-RESERVE

**Summary.** In 2011–2013 phytopathologic health conditions of conifers trees in the old-growth Monrepos Park (Vyborg, Leningrad Region, Russia) was re-examined to analyze changes in the prevalence of the most common tree diseases and their pathogens in the historic park over a period of 1991–2011. The most common and harmful pathogens such as canker-cancerous and rot diseases were identified. Uneven and often sharp

rise of pathogens abundance at different sections of the park, their patchy distribution, expansion of their substrate specialization as well as increase in the species composition of plant pathogens were observed. It is suggested that the recreational stress Monrepos Park has the leading role in the qualitative and quantitative changes in composition of pathogens and reduction of biological sustainability of old-growth conifers trees.

А. В. Шнырева, А. А. Шнырева

Московский государственный университет  
им. М. В. Ломоносова  
г. Москва, Россия  
e-mail: ashn@mail.ru

## МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ В СИСТЕМАТИКЕ ГРИБОВ: НАСТОЯЩЕЕ И БУДУЩЕЕ

В настоящее время при изучении биоразнообразия живого, помимо традиционных подходов, основанных на сравнении фенотипов, объектом исследований служат *генотипы* организмов, то есть весь комплекс генетической информации, передаваемый из поколения в поколение и реализуемый в ходе онтогенеза. *Геносистематика* (molecular phylogenetics) занимается изучением эволюционной истории организмов по отношению к их общим предкам на основе анализа молекулярных признаков. Все большую популярность приобретают молекулярные методы анализа, такие как, например, секвенирование определенных и в разной степени вариабельных участков генома с последующим сравнением полученных данных с электронной базой данных NCBI, EMBL-EBI или DDBJ при помощи инструмента BLAST. Для филогенетических исследований в царстве грибов в настоящее время предложено использовать шесть универсальных генных областей: гены малой и большой субъединиц рибосомальных РНК (18S рРНК, 28S рРНК и 5,8S рРНК), ген фактора элонгации пептидов (EF) и

два гена, кодирующих субъединицы РНК полимеразы II (RPB1 и RPB2) (Программа AFTOL, Assembling Fungal Tree of Life). Большинство филогенетических анализов в царстве грибов сделано на основе кластера рибосомальных генов, обнаруженных в ядерных и митохондриальных геномах. Наиболее часто используемыми в филогенетике последовательностями для межвидовых и внутривидовых сравнений являются транскрибируемые спейсерные области кластера генов рибосомальных РНК – ITS1 – 5,8S рРНК – ITS2 (internal transcribed spacers), расположенные между структурными генами 18S рРНК и 28S рРНК. Именно по этим генным последовательностям накоплены большие информационные базы данных в ГенБанке ([www.ncbi.nih.gov](http://www.ncbi.nih.gov)). В связи с этим было предложено создать единую базу данных по ITS, содержащую информацию о всех живых организмах. Одна из наиболее масштабных и известных программ подобного плана – «Баркодинг всего живого» (Barcode of Life). ДНК-баркодинг – это таксономический метод, использующий короткие последовательности ДНК в качестве

доступных генетических маркеров для определения видовой принадлежности изучаемых организмов (Barcode of Life programme) [1]. В качестве основного молекулярного маркера для грибов была предложена ITS последовательность и создана база данных – Fungal Barcoding Database ([www.fungalbarcoding.org](http://www.fungalbarcoding.org)). На данный момент более 100 000 грибных ITS последовательностей депонировано в различные электронные базы данных, и эта цифра неуклонно растет в связи с повышающейся доступностью техники секвенирования по всему миру. Однако пока еще не существует эффективных мер контроля депонирования такого огромного количества данных. В базах данных встречается множество неотредактированных последовательностей, включающих всевозможные ошибки секвенирования, особенно по 5'- и 3'-концам последовательностей. Также некоторые последовательности бывают неправиль-

но определены, например, на видовом уровне, или находятся под устаревшими или уже не используемыми названиями. Поэтому для проведения филогенетических исследований с особой осторожностью должен проводиться подбор референсных последовательностей из электронных баз данных [2].

Современные методы геномики позволяют уже сейчас сопоставлять информацию о полных ядерных геномах и геномах органелл. Однако даже такие сравнения не всегда способны дать однозначный ответ о происхождении и путях эволюции тех или иных групп организмов в силу пока еще ограниченности данных по секвенированию геномов и их аннотации. В докладе будут обсуждены преимущества и недостатки современных методов секвенирования – пиросеквенирование и секвенирование на микрочипах – с точки зрения методологических подходов в геносистематике.

### Список литературы

1. Hebert P., Cywinska A., Ball S.L., deWaardet J. R. Biological identifications through DNA barcodes // Proceedings of the Royal Society London, Biological Science. 2003. Vol. 270. № 2. P. 313–321.
2. Bellemain E., Carlsen T., Brochmann C., Coissac E., Taberlet P., Kausrud H. ITS as an environmental DNA barcode for fungi: an in silico approach reveals potential PCR biases // BMC Microbiology. 2010. Vol. 10, № 1. P. 189–198.

А. П. Юрков<sup>1,2</sup>, Н. Е. Гапеева<sup>1</sup>, Л. М. Якоби<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт  
сельскохозяйственной микробиологии  
г. Санкт-Петербург, Россия

<sup>2</sup>Российский государственный гидрометеорологический  
университет  
г. Санкт-Петербург, Россия  
e-mail: [yurkovandrey@yandex.ru](mailto:yurkovandrey@yandex.ru)

## СИМБИОТИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ ГРИБОВ АРБУСКУЛЯРНОЙ МИКОРИЗЫ: МОДЕЛЬНАЯ СИСТЕМА\*

Одним из самых распространенных типов растительно-микробных ассоциаций является арбускулярная микориза (АМ), формируемая большинством видов (>80 %) высших наземных растений с грибами монофилетической группы – отдела Glomeromycota, включающего ~150 видов [1]. В условиях среднего и низ-

кого уровня доступного для питания растений фосфора (Рд) в почве АМ обладает существенной симбиотической эффективностью. Под симбиотической эффективностью понимается получаемая за счет инокуляции растений АМ-грибом прибавка показателей продуктивности (веса надземных частей и корней, высо-

© Юрков А. П., Гапеева Н. Е., Якоби Л. М., 2015

\* Работа выполнена при государственной финансовой поддержке ГК 16.740.11.0344, гранта Президента РФ МК–5964.2013.4 с использованием оборудования ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ВНИИСХМ и оборудования РЦ «Развитие молекулярных и клеточных технологий» СПбГУ (проект 109–98).